

Uit het oog, uit het hart?

Antarctische microbiële diversiteit
als criterium voor natuurbehoud



Karolien Peeters tijdens staalname in Brattnipane (Sør Rondanegebirge)
(Foto A. Wilmotte)

Inleiding

Belgische onderzoeksteams hebben tal van nieuwe soorten ontdekt en een hoge mate van endemisme aangetroffen in Antarctische microbiële gemeenschappen. Deze resultaten onderstrepen het belang van de microbiële diversiteit op Antarctica als aanvullend criterium voor de afbakening van gebieden die een speciale natuurbescherming genieten (ASPAs).

Micro-organismen en het Antarctica Verdrag

Toen in 1991 het Madrid Protocol voor de bescherming van habitats binnen het Antarctica Verdrag werd ondertekend, was de kennis over de diversiteit van micro-organismen eerder beperkt en stonden moleculaire methoden die nu gebruikt



**Microbiële biofilm en korstmossen in de Utsteinen nunatak.
(Foto A. Wilmotte)**

worden voor de analyse van microbiële gemeenschappen nog in hun kinderschoenen. Hoewel het algemeen geweten was dat micro-organismen biotische processen domineren op Antarctica, was er nog maar weinig gekend over hun taxonomische diversiteit, evolutionaire geschiedenis en de geografische verspreiding van soorten. Dit verklaart waarom microbiële soorten niet voorkomen op de lijst met de te beschermen taxa, hoewel korstmossen, fungi en algen geklasseerd werden als 'Planten' in Annex II van het Madrid Protocol. Het netwerk van ASPAs (Antarctic Specially Protected Areas) dat opgesteld wordt door het Committee for Environmental Protection heeft tot doel 'elementen met een uitzonderlijke omgevings-, wetenschappelijke, historische en esthetische waarde, een combinatie van deze elementen, of lopend en gepland wetenschappelijk onderzoek te beschermen' (www.ats.aq/e/ep_protected.htm).

Endemisme en biogeografie bij micro-organismen

In het kader van de Belspo-projecten ANTAR-IMPACT, BELDIVA en (CC)AMBIO, bestudeerden vier Belgische teams de cultiveerbare en niet-cultiveerbare diversiteit van cyanobacteriën, heterotrofe bacteriën, groenwieren en diatomeeën in Antarctische meren en bodems. Hierbij maakten ze gebruik van de modernste methoden en recentste taxonomische inzichten voor de identificatie van microbiële taxa.

De diatomeeënflora's verschillen significant tussen Continentaal Antarctica, Maritiem Antarctica en de Sub-Antarctische eilanden. Deze duidelijke biogeografische patronen en de hoge mate van endemisme kunnen ten dele verklaard worden door geografische verschillen in lokale omgevingsfactoren, maar ook door geografische isolatie en verschillen in de klimaat- en geologische geschiedenis van de regio's. Sommige regio's fungeerden immers als glaciële refugia waar soorten overleefden tijdens voorbije ijstijden. Deze regio's bevatten een relictflora die bestaat uit een combinatie van Antarctische endemen (waaronder verschillende nieuwe soorten), taxa die ook voorkomen in alpiene regio's op andere continenten en cosmopoliete soortcomplexen. Op basis van moleculaire fylogenieën bestaan deze schijnbaar cosmopoliete soortcomplexen uit verschillende soorten waaronder een duidelijk afgescheiden Antarctische lijn die het continent koloniseerde vóór de start van de Pleistocene ijstijden.



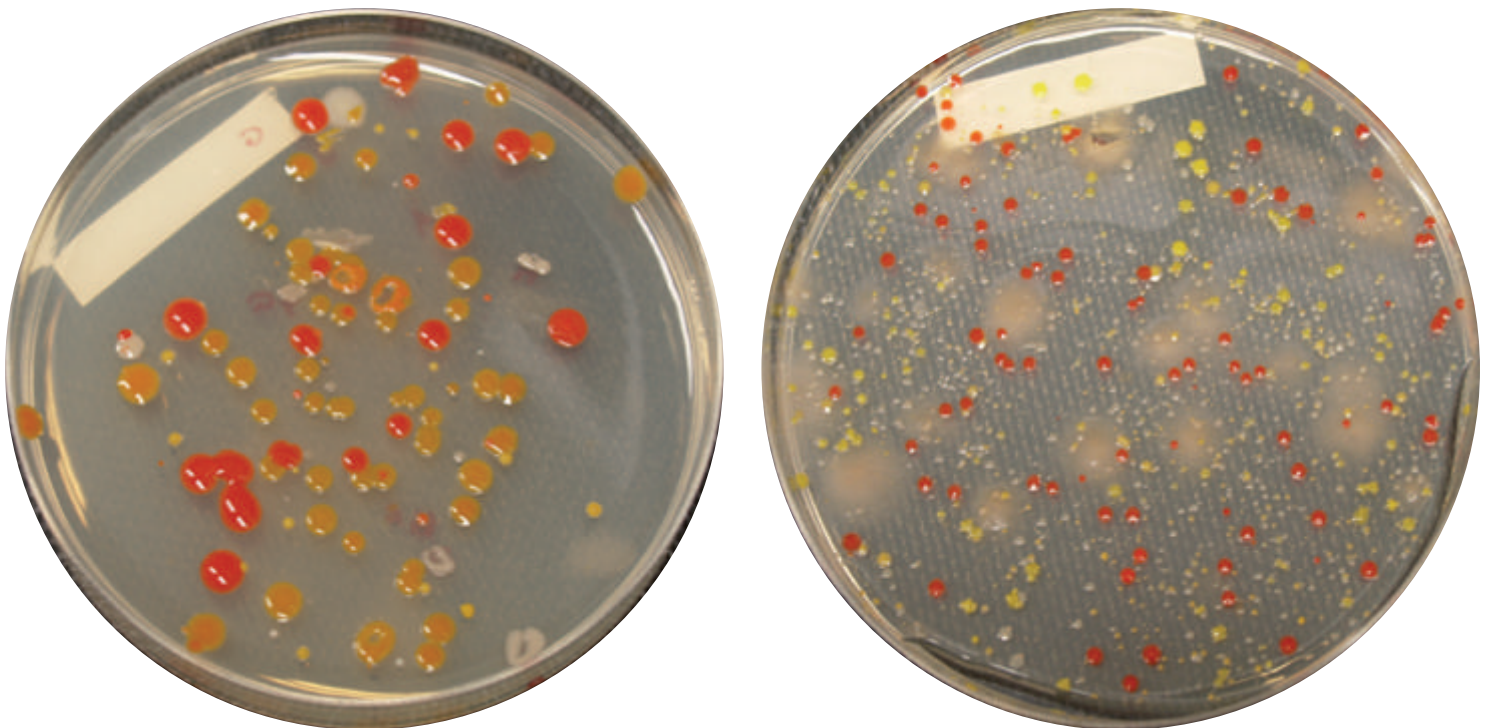
Microbiële mat in een smeltwaterstroom op het Skarvsnes-shiereiland, Lützow Holm bay, Oost-Antarctica. (Foto W. Vyverman)

De analyse van de kleine Subunit van ribosomale (SSU) RNA-sequenties leidde tot de ontdekking van een hoge fylogenetische diversiteit bij zoetwatergroenwieren en het voorkomen van organismen die endemisch zijn voor Antarctica. De meerderheid van de groepen zijn tussen 17 en 84 miljoen jaar geleden afgesplitst van hun zusters taxa. Onze resultaten suggereren verschillende, zij het onafhankelijke, kolonisaties van het Antarctische continent en langdurige overleving van een aantal taxa in glaciële refugia. Een analyse met behulp van Denaturing Gradient Gel Electrophoresis (DGGE) van het SSU rRNA-gen in microbiële matten van meer dan 40 Continentaal Antarctische meren toonde aan dat regionale verschillen in de groenwierflora verklaard kunnen worden door zowel lokale omgevingsvariabelen als regionale factoren, zoals ouderdom van het gebied en het onvermogen tot langeafstandsverbreiding of dispersielimitatie.

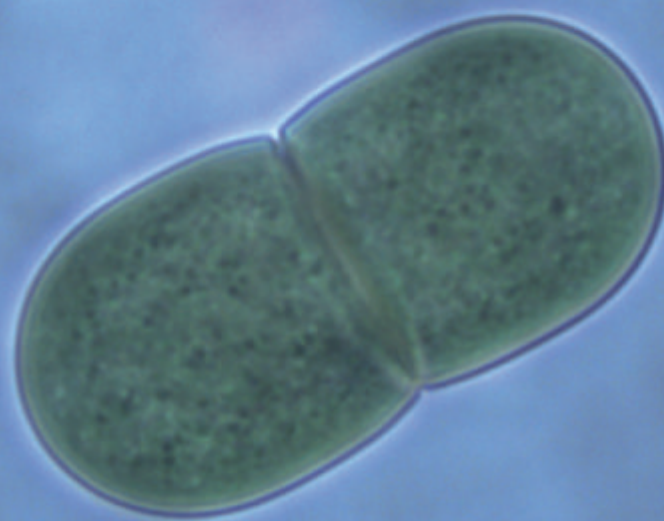
De isolatie van ongeveer 3800 bacteriële types in slechts 9 stalen toonde een heel hoge diversiteit aan van cultiveerbare bacteriën. 37% van de taxa blijkt endemisch te zijn voor Antarctica en heel wat isolaten zijn nieuw voor de wetenschap. De overlap in bacteriële samenstelling tussen de verschillende stalen was eerder gering wat wijst op een grote geografische variatie in verspreiding alsook een hoge regionale diversiteit. We ontdekten vertegenwoordigers van vijf grote fylogenetische groepen, namelijk *Actinobacteria*, *Proteobacteria*,

Bacteroidetes, *Firmicutes* en *Deinococcus-Thermus*, waarvan verscheidene mogelijk nieuwe taxa. Onze data suggereren dat op Antarctica cosmopoliete bacteriën alsook bacteriën met een beperkte verspreiding voorkomen die mogelijk in geografische isolatie evolueerden.

Een analyse van de moleculaire diversiteit van cyanobacteriën door middel van een DGGE van het SSU rRNA-gen in 50 microbiële matten van Oost-Antarctische meren toonde de aanwezigheid aan van ten minste 35 Operationele Taxonomische Eenheden; OTU's of groepen van SSU rRNA-sequenties die minder dan 2% van elkaar verschillen. 37% van de OTU's worden enkel gevonden in alpiene en polaire habitats en 17% zijn potentieel endemisch voor Antarctica. De meeste OTU's komen voor in verschillende regio's van Oost-Antarctica. Dit suggereert een relatief frequente dispersie van die cyanobacteriën tussen de ijsvrije gebieden van het continent. Tijdens drie BELARE-expedities werden meer dan 150 stalen verzameld uit de verschillende habitats van 10 ijsvrije gebieden nabij de Princess Elisabethbasis. Met behulp van lichtmicroscopie werden 15 cyanobacteriële morfotypes aangetroffen. Een DGGE-analyse van het SSU rRNA-gen leverde 31 OTU's op, waarvan er 10 potentieel endemisch zijn voor Antarctica; 6 OTU's werden vooralsnog enkel in de regio rond de Princess Elisabethbasis aangetroffen. Deze relatief hoge mate van endemisme suggereert dat het Sør Rondanegebergte mogelijks een glaciiaal refugium was tijdens voorbije ijstijden.



Isolaten van heterotrofe gepigmenteerde bacteriën. De pigmenten zijn o.a. een bescherming tegen UV-straling. (Foto K. Peeters)



Cyanosphaera aeruginosa in een terrestrisch staal van de Utsteinen nunatak.
(Foto Marie-José Mano)

Een oproep om microbiële organismen als criterium voor natuurbehoud en de afbakening van ongerepte gebieden te gebruiken

Samengevat zijn de hoge mate van endemisme in alle groepen tot dusver bestudeerd en de toenemende aanwijzingen dat regionale verschillen in microbiële gemeenschappen gerelateerd zijn aan vroegere klimaatveranderingen en tectonische gebeurtenissen, argumenten om Antarctische microbiële gemeenschappen beter te beschermen. In het bijzonder zou monitoring van de microbiële diversiteit helpen om de impact na te gaan van klimaatveranderingen en menselijke activiteit zoals de bouw van nieuwe onderzoeksstations, bemonsteringscampagnes en toerisme op deze unieke ecosystemen. Data over de microbiële diversiteit zouden hiertoe moeten beschouwd worden als bijkomend criterium voor het afbakenen van ASPA's. Met de verdere ontwikkeling van nieuwe sequenceringsmethoden zal de studie van de microbiële diversiteit in het kader van monitoringprogramma's even haalbaar worden als onderzoek naar populaties van vogels, zoogdieren, planten en meercelligen in het algemeen. Bovendien voorziet Annex V (Artikel 3) van het Madrid Protocol (www.ats.aq/documents/recatt/att004_e.pdf) in de mogelijkheid om binnen de ASPA's gebieden af te bakenen die ongerept moeten blijven zodat ze in de toekomst vergeleken kunnen worden met gebieden waar lokale menselijke activiteit niet gewoerd werd. Het spreekt voor zich dat het afbakenen van dergelijke gebieden uiterst belangrijk is voor toekomstig onderzoek naar de microbiële diversiteit in de context van toenemende antropogene beïnvloeding van Antarctische ecosystemen.

De auteurs

Elie Verleyen, Dagmar Obbels, Aaike De Wever, Caroline Souffreau, Pieter Vanormelingen, Koen Sabbe en Wim Vyverman (Onderzoeksgroep Protistologie en Aquatische Ecologie van de Universiteit Gent).

Karolien Peeters, Bjorn Tytgat en Anne Willems (Laboratorium voor Microbiologie van de Universiteit Gent).

Damien Ertz en Bart Van de Vijver (Nationale Plantentuin van België).

Marie-José Mano, Pedro De Carvalho Maalouf, Rafael Fernandez-Carazo, Zorigto Namsaraev en Annick Wilmotte (Centre d'Ingénierie des Protéines van de Université de Liège).

De auteurs zijn partners in de projecten (CC)AMBIO, BELDIVA en ANTAR-IMPACT.